



**Escuela de Enfermería de Ávila, centro adscrito a la
Universidad de Salamanca**

TRABAJO FIN DE GRADO

**RELACIÓN ENTRE EL TIPO DE DIETA Y LAS MODIFICACIONES
EN LA MICROBIOTA INTESTINAL HUMANA. REVISIÓN
BIBLIOGRÁFICA SISTEMÁTICA.**

**RELATION BETWEEN DIET TYPE AND MODIFICATIONS IN THE
HUMAN INTESTINAL MICROBIOTA. SYSTEMATIC
BIBLIOGRAPHIC REVIEW.**

Titulación: Grado en Enfermería

Estudiante: David Sánchez San Segundo

Tutora: María del Pilar González Arrieta

Fecha: 11 Mayo de 2020

ÍNDICE

I. RESUMEN	2
II. ABSTRACT	3
III. INTRODUCCIÓN	4
IV. OBJETIVOS	8
A. OBJETIVO PRINCIPAL	8
B. OBJETIVOS SECUNDARIOS	8
V. ESTRATEGIA DE BÚSQUEDA Y SELECCIÓN DE ESTUDIOS	9
VI. SÍNTESIS Y ANÁLISIS DE RESULTADOS	12
VII. CONCLUSIONES	27
VIII. BIBLIOGRAFÍA	28
IX. ANEXOS	32
ANEXO I. ÁRBOL FILOGENÉTICO DE LAS PRINCIPALES BACTERIAS GRAM NEGATIVO Y GRAM POSITIVO.	32
ANEXO II. GLOSARIO DE ABREVIATURAS UTILIZADAS ORDENADAS ALFABÉTICAMENTE.	33

I. RESUMEN

Introducción: Los cambios en la dieta pueden haber afectado en la composición de la microbiota intestinal, creciendo el interés por la modulación de la dieta y conseguir una microbiota intestinal favorable para promover la salud. **Objetivo:** Conocer los cambios que generan diferentes tipos de dieta en la microbiota intestinal humana. **Material y métodos:** Se realiza una revisión bibliográfica sistemática utilizando las bases de datos: Medline a través de Pubmed, CINALH, Biblioteca Cochrane, CUIDEN y Gredos (Repositorio documental de la Universidad de Salamanca). Publicados entre 2015 y 2019. **Resultados:** Se seleccionaron 10 estudios, sobre la modificación causada por los macronutrientes y el uso de probióticos y prebióticos en distintas alteraciones de la microbiota intestinal. **Conclusión:** La dieta es un potente modificador de la microbiota intestinal, una composición favorable de ésta promueve la salud. Los ácidos grasos de cadena corta, resultantes de la fermentación de carbohidratos no digeribles, han demostrado diferentes beneficios y ser terapéuticos novedosos muy prometedores. Los prebióticos y probióticos y los polifenoles han demostrado también beneficios en el restablecimiento de alteraciones de la microbiota intestinal.

Palabras clave: dieta, microbiota, prebióticos, probióticos, enfermedad.

II. ABSTRACT

Introduction: Changes in diet may have affected the composition of the intestinal microbiota, increasing interest in modulating the diet and achieving a favorable intestinal microbiota to promote health. **Objective:** To know the changes that different types of diet generate in the human intestinal microbiota. **Material and methods:** A systematic bibliographic review is carried out using the databases: Medline through Pubmed, CINALH, Cochrane Library, CUIDEN and Gredos (Documentary repository of the University of Salamanca). Published between 2015 and 2019. **Results:** 10 studies were selected, on the modification caused by macronutrients and the use of probiotics and prebiotics in different alterations of the intestinal microbiota. **Conclusion:** Diet is a powerful modifier of the intestinal microbiota, a favorable composition of it promotes health. Short chain fatty acids, resulting from the fermentation of nondigestible carbohydrates, have shown different benefits and are very promising novel therapeutics. Prebiotics and probiotics and polyphenols have also shown benefits in restoring intestinal microbiota abnormalities.

Key words: diet, microbiota, prebiotics, probiotics, disease.

III. INTRODUCCIÓN

A. BARRERA INTESTINAL Y MICROBIOTA.

La mayoría de los nutrientes de la dieta se absorben en el intestino delgado, con el epitelio intestinal actuando como una barrera sobre el contenido del intestino¹.

La superficie de la mucosa del tracto gastrointestinal está revestida de células epiteliales que establecen una barrera efectiva, mediante uniones intercelulares, entre el medio interno y el medio externo^{1,2}. Este sistema defensivo creado por el intestino, está compuesto por diferentes elementos, tanto extracelulares como celulares, que actúan de forma coordinada. A su vez, el sistema inmunitario y la adquisición de tolerancia hacia los antígenos de la dieta y la microbiota intestinal mantienen el correcto desarrollo de la barrera epitelial². Es de vital importancia una barrera intestinal intacta para el buen mantenimiento de la salud intestinal y general, mediante la prevención de lesiones tisulares, infección de patógenos y desarrollo de enfermedades³. Es una barrera semipermeable que evita el acceso a otras sustancias potencialmente nocivas y a su vez permite la colonización por bacterias comensales, participando estas en los procesos digestivos e influyendo en el desarrollo y la función del sistema inmunitario intestinal².

Se denomina Microbiota a esta comunidad microbiana, definida como “conjunto de microorganismos presentes en un ambiente definido”⁴. Para asegurar la homeostasis interna, el tracto gastrointestinal desarrolla la **función digestiva** mediante la digestión y absorción de los nutrientes, el transporte de agua y electrolitos y la secreción de agua y proteínas a la luz intestinal, además de tener una **función defensiva** que impida el paso de sustancias potencialmente nocivas, y que permita, al mismo tiempo, el paso selectivo de sustancias que favorecen el desarrollo del sistema inmunitario intestinal y la tolerancia inmunológica².

Entre los diferentes hábitats presentes en el cuerpo humano el tracto gastrointestinal es el más densamente colonizado⁵. Siendo la comunidad microbiana extremadamente compleja en su composición, albergando, en cada uno de nosotros cientos de diferentes especies de microorganismos^{4,5}.

A principios de este siglo XXI, con el desarrollo de métodos independientes de cultivo y secuenciación masiva del ADN (ácido desoxirribonucleico), se ha

permitido profundizar enormemente en el conocimiento de la microbiota intestinal humana, así como en el conocimiento de los genes de esta comunidad microbiana, surgiendo el término microbioma⁴ y en los últimos años se ha llevado a cabo diversos proyectos de investigación multidisciplinarios como el Proyecto MetaHit, el Proyecto del Microbioma Humano y el Proyecto MyNewGut, que han permitido un mayor conocimiento del tema⁶.

El término microbioma comprende todo el material genético dentro de una microbiota, al hábitat en su totalidad, incluyendo los microorganismos, sus genomas (genes) y las condiciones ambientales^{4,5}.

La microbiota intestinal humana en promedio contiene alrededor de 100 billones de bacterias y está compuesta por 500-1000 especies diferentes de bacterias. Solo hay 1/3 común en todas las personas y los otros 2/3 son específicos de cada persona. Está influenciada por la dieta, el entorno y el uso de antibiótico^{3,5,7}. Una microbiota sana posee una alta diversidad y gran capacidad para resistir invasiones patógenas⁶.

En equilibrio u homeostasis intestinal, la microbiota intestinal desempeña **funciones metabólicas, tróficas y de protección**, claves en la salud, sin embargo, existen determinados factores ambientales, como son el estrés, los antibióticos y la dieta, que pueden modificar la composición y/o funcionalidad de la misma⁶, dando lugar a la disbiosis que se define como cualquier alteración de la composición de la microbiota intestinal o función de la comunidad microbiana y que se asocia a enfermedades humanas, incluidas las gastrointestinales como la EII (Enfermedad inflamatoria intestinal), sistémicas como la obesidad o la diabetes tipo II y locales como los trastornos de la función cerebral^{3,6}. Estas enfermedades han aumentado en incidencia desde mediados del siglo XX, y se han correlacionado aproximadamente con los cambios sociales en la producción de alimentos durante este período⁷.

En la Figura 1, se puede observar el esquema adaptado de Boulangé y cols⁶ de los efectos en la salud intestinal y metabólica de una microbiota intestinal saludable comparado con disbiosis.

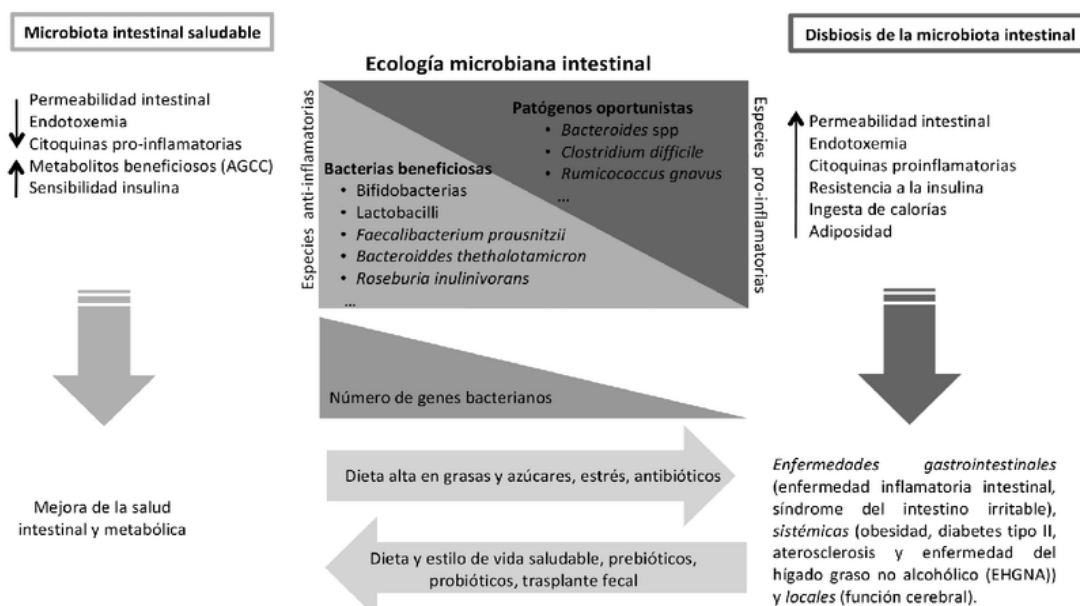


Figura 1. Efectos en la salud intestinal y metabólica de una microbiota intestinal saludable comparado con disbiosis. Adaptado de Boulangé y cols⁶.

Los cambios en la dieta pueden haber impactado la microbiota intestinal, creciendo el interés por explorar si modulaciones dietéticas específicas podrían ser un medio para optimizar la composición de la microbiota para promover la salud^{7,8}.

Corroborando los resultados del estudio de Tamargo García A et al ⁶, “Simulador gastrointestinal dinámico (simgi®): una herramienta potencialmente útil en nutrición clínica” de 2017, estudios como el de Singh RK et al ⁹, “**Influence of diet on the gut microbiome and implications for human health**” de 2017, muestra como un cambio agudo en la dieta altera notablemente la composición de la microbiota intestinal, por ejemplo, un cambio agudo estrictamente de origen animal o vegetal, altera la composición microbiana en solo 24 horas del inicio, con la reversión a la línea de base dentro de las 48 horas de la interrupción de la dieta^{6,9}.

B. COMPOSICIÓN MICROBIOTA

De los 100 billones de bacterias, la mayoría pertenecen al Dominio Bacteria, aunque destaca también la presencia de Archaeas metanógenas, células eucariotas como levaduras y protistas, así como virus en forma de fagos y virus animales^{4,10}.

En el estudio de Yatsunenko T et al ¹⁰, “Human gut microbiome viewed across age and geography” en el año 2012, sobre el gen 16S como metagenómico sobre

muestras fecales humanas, han descrito representación de 7-9 de las 55 Phyla del **Dominio Bacteria**. Más del 90% de las formas del Dominio Bacteria pertenecen a las **Divisiones** Bacteroidetes y Firmicutes. Otras Divisiones abundantes son Proteobacteria, Actinobacteria, Fusobacteria y Verrucomicrobia. Dentro del **Dominio Archaea** encontramos representación de muy pocas especies, en su mayoría pertenecientes a *Methanobrevibacter smithii*. Analizando el gen 16S en muestras fecales en una cohorte de niños y adultos sanos procedentes de la zona amazónica de Venezuela, áreas rurales de Malawi y población urbana de Estados Unidos, se encontraron **sorprendentes diferencias** en la composición y diversidad de la colonización bacteriana entre los individuos de zonas con o sin desarrollo económico y social. Se constató que la diversidad bacteriana se incrementaba con la edad, siendo en el estudio las muestras de EEUU las menos diversas¹⁰.

En el anexo I, podemos ver el árbol filogenético de las principales bacterias¹². Los diferentes cambios bacterianos se relacionaban con diferentes factores de exposición ambiental, así como con patrones dietéticos¹⁰.

C. IMPORTANCIA CLÍNICA DE LA DIETA EN LA MICROBIOTA

Teniendo en cuenta el estudio mencionado anteriormente de Tamargo García A et al, “Simulador gastrointestinal dinámico (simgi®): una herramienta potencialmente útil en nutrición clínica”, se puede decir que la disbiosis de la microbiota intestinal se ha asociado a enfermedades y trastornos de la función cerebral, apareciendo un incremento en la incidencia de estas enfermedades desde mediados del siglo XX. En concreto, la enfermedad inflamatoria intestinal, obesidad, diabetes mellitus tipo 2, o colitis pseudomembranosa son las patologías que han sido asociadas a cambios en la composición de la microbiota intestinal. Los estudios remarcan que el hecho de asociación no implica necesariamente causalidad^{10,11}.

Se sigue con las líneas de investigación durante los últimos años en el conocimiento de la composición, función e importancia de la microbiota intestinal, así como por el interés en las modulaciones específicas de la dieta, ya que podrían ser un medio para optimizar la composición de la microbiota para promover la salud^{4,7,9}. Siendo de gran interés e importancia realizar una revisión de la literatura científica para conocer las asociaciones entre la composición de la dieta y los cambios en la microbiota intestinal hasta el momento.

IV. OBJETIVOS

A. OBJETIVO PRINCIPAL

- Conocer los cambios que generan diferentes tipos de dieta en la microbiota intestinal humana.

B. OBJETIVOS SECUNDARIOS

- Dar a conocer los cambios que producen los distintos elementos de los alimentos en la composición de la microbiota intestinal humana de individuos adultos.
- Conocer la asociación de los cambios de la microbiota intestinal humana en distintas enfermedades.
- Conocer el uso de los prebióticos y probióticos en el restablecimiento de alteraciones de la microbiota intestinal.
- Conocer los cambios de la microbiota intestinal en diferentes enfermedades en las que se ha descrito que hay una asociación.

V. ESTRATEGIA DE BÚSQUEDA Y SELECCIÓN DE ESTUDIOS

Se lleva a cabo en dos fases distintas, una primera de localización de los artículos y selección de los estudios y una segunda fase de lectura crítica de los resúmenes de los artículos preseleccionados.

La búsqueda se ha realizado en las siguientes bases de datos: Medline a través de Pubmed, CINALH, CUIDEN, Biblioteca Cochrane, Repositorio documental Gredos de la Universidad de Salamanca.

CRITERIOS DE INCLUSIÓN:

- Artículos publicados en los últimos cinco años, desde el 1/01/2015 hasta el 31/12/2019, en español e inglés.
- Estudios cuyo objetivo es conocer la relación de los macronutrientes de la dieta con los cambios en la composición de la microbiota intestinal en relación con enfermedades.
- Se incluyen estudios observacionales y experimentales en la revisión.

CRITERIOS DE EXCLUSIÓN:

- Se excluyeron los artículos incluidos en las revisiones y/o metanálisis incluidos a su vez en la revisión.
- Se excluyeron los estudios de los cambios en la microbiota intestinal en la población infantil humana.
- Se excluyeron los estudios experimentales en animales.

PREGUNTA PICO: ¿Hay relación entre el tipo de dieta y la modificación de la microbiota intestinal humana?

- **P:** Cambios de la microbiota intestinal en los pacientes.
- **I:** Tipo de dieta
- **C:** No hay elemento de comparación
- **O:** Modificación en la composición de la microbiota intestinal

DeCS	MeSH
Dieta	Diet
Microbiota	Microbiota
Intestinal / Gastrointestinal	Intestinal / Gastrointestinal
Alimentos	Food
Enfermedades	Diseases

Búsqueda en PubMed:

Búsqueda 14/01/2020. Diet and Food and Microbiota and Intestinal and Diseases, artículos comprendidos entre las fechas 1/1/2015 hasta 31/12/2019, artículos publicados en inglés y en español: 377 resultados en inglés y 1 resultado en español.

- Estudios preseleccionados por título: 57 artículos en inglés y 1 artículo en español.
- Tras lectura del resumen: se seleccionaron 27 artículos.
- Tras lectura crítica del texto completo: se seleccionaron 6 artículos en la revisión.

Búsqueda en CINALH:

Búsqueda 15/01/2020. Diet and Food and Microbiota and Intestinal and Diseases, artículos comprendidos entre las fechas 1/1/2015 hasta 31/12/2019, artículos publicados en inglés y en español: resultado 67 artículos en inglés y 2 artículos en español.

- Estudios preseleccionados por título: 13 de los artículos en inglés y 1 artículo en español. Tras comparar con los estudios encontrados en Medline, se descartan los repetidos y se seleccionaron 5 artículos.
- Tras lectura del resumen: se seleccionaron 4 artículos.
- Tras lectura crítica del texto completo: se seleccionaron 2 artículos, que fueron incluidos en la revisión.

Búsqueda en Biblioteca Cochrane:

Se realizaron dos búsquedas: Microbioma gastrointestinal, fecha desde 1/1/2015 hasta 31/12/2019, artículos publicados en inglés, resultado de 2 artículos. Y búsqueda microbiota gastrointestinal, resultado 3 artículos, 2 en común con la búsqueda anterior, todos ellos excluidos del estudio por el título.

Búsqueda en CUIDEN:

Mediante el término microbiota, ajustados a los mismos parámetros temporales, idioma español e inglés, encontramos 6 artículos. Tras una lectura de los títulos, se selecciona 1, que fue incluido tras lectura del resumen y lectura crítica.

Búsqueda en el Repositorio documental Gredos de la Universidad de Salamanca:

En las mismas fechas, se encontraron 65 artículos, se seleccionaron 5 por título, 2 tras leer resumen y finalmente tras lectura crítica se incluyó 1 artículo en la revisión.

Se incluyeron en la revisión un total de 10 artículos.

Tabla 1. Estudios encontrados y seleccionados en la búsqueda realizada en las distintas bases de datos.

Bases de datos	Resultado búsqueda	Selección tras lectura de título	Selección tras lectura de resumen	Selección tras lectura crítica	Total artículos incluidos
PubMed	377	58	27	6	6
Cinalh	69	14 (Descarto 5 repetidos)	4	2	2
Biblioteca Cochrane	3	0	-	-	0
Cuiden	6	1	1	1	1
Repositorio documental Gredos	65	5	2	1	1

VI. SÍNTESIS Y ANÁLISIS DE RESULTADOS

Food Components and Dietary Habits: Keys for a Healthy Gut Microbiota Composition¹³.

Rinninella et al¹³, en Italia en 2019, realizó una revisión sistemática en población adulta humana. Tuvo como objetivo centrarse en el impacto de los componentes de alimentos individuales, sal, aditivos alimentarios y diferentes hábitos alimenticios sobre la composición de la microbiota intestinal para definir la dieta óptima para una modulación saludable de la microbiota intestinal. Obteniendo como conclusión que los hábitos alimenticios pueden influir fuertemente en la composición de la microbiota intestinal. La occidentalización de la dieta, incluidos los aditivos, puede reducir la diversidad microbiana intestinal en términos de filamentos y géneros, lo que conduce a la disbiosis, la alteración de la función de barrera y la permeabilidad, y la activación anormal de las células inmunes, lo que lleva a una alta incidencia de enfermedades crónicas. En la revisión dice que: Los **carbohidratos digeribles** como por ejemplo glucosa, fructosa y galactosa, se degradan en el intestino delgado y son absorbidos en el torrente sanguíneo. Los **carbohidratos indigeribles**, llamados también “fibra dietética”, resisten la digestión del intestino delgado y llegan al intestino grueso y dentro de este grupo están los polisacáridos sin almidón (celulosas y hemicelulosas), lignina, almidones resistentes y oligosacáridos no digeribles; también son clasificables según su fermentabilidad en el colon y su solubilidad en agua. Las fibras dietéticas fermentables, sometidas a fermentación sacarolítica por acción de bacterias intestinales, producen SCFA (ácidos grasos de cadena corta), butirato, acetato y propionato. Los SCFA están involucrados en la homeostasis del colon, estimulando la proliferación y diferenciación de las células epiteliales, la absorción de sales y agua, el mantenimiento de la integridad de la mucosa y la disminución de la inflamación. También actúan como inhibidores de la acetona de la acetilasa (en la regulación epigenética), actuando como agentes anticancerígenos y aumentan el tiempo de tránsito y saciedad. Los tipos y cantidades de SCFA están determinados por la composición de la microbiota intestinal y la cantidad de carbohidratos consumidos.

Respecto a las **proteínas**, el estudio dice que la fermentación proteolítica produce menos SCFA y produce sustratos tóxicos como el amoníaco, cuyas aminos

incluyen nitrosaminas y TMAO (trimetilamina-N-óxido). El consumo de proteínas de origen animal, produce un aumento de bacterias anaerobias tolerantes a la bilis como Bacteroides, Alistipes y Bilophila, que inducen a un aumento del TMAO, con potencial proaterogénico y mayor riesgo de enfermedades cardiovasculares. También podría aumentar el riesgo de EII, por SRB (bacterias reductoras de sulfato) y menor producción de SCFA. Por otro lado, el consumo de proteínas de origen vegetal aumentó la Bifidobacteria intestinal y el Lactobacillus intestinal, estimulando la producción de SCFA (efecto antiinflamatorio y protector de la mucosa intestinal), y disminución de Bacteroides fragilis y Clostridium perfringens patógenos ¹³.

Y en cuanto a las grasas, el estudio dice que el consumo de una dieta alta en **ácidos grasos saturados** puede estimular la producción de SRB, causando una capa mucosa defectuosa y aumentando la inflamación intestinal, así como mayor la complejidad en las colitis y la EII. Las dietas ricas en **ácidos grasos monoinsaturados** se relacionan con los géneros Parabacteroides, Prevotella y Turicibacter y la familia Enterobacteriaceae, y con un menor número de géneros Bifidobacterias. Los **ácidos grasos poliinsaturados**, como por ejemplo el omega-3, producen una acción positiva al restaurar una composición saludable de microbiota y aumentar la producción de compuestos antiinflamatorios. Sobre todo, restaurando la proporción Firmicutes / Bacteroidetes y aumentando los taxones de Lachnospiraceae, ambos asociados con una mayor producción del butirato antiinflamatorio. En concreto los CLA (ácidos linoleicos conjugados) producen disminución de Firmicutes y un aumento de Roseburia y Lactobacillus, con elevación de SCFA butirato en heces y acetato en plasma; que podría explicar en parte las propiedades antiateroscleróticas, antiobesogénicas y anticancerígenas que se les atribuyen.

An Insight Into the Intestinal Web of Mucosal Immunity, Microbiota, and Diet in Inflammation¹⁴.

Yap YA et al¹⁴, en Estados Unidos en 2017, realizaron una revisión sistemática, que tuvo como objetivo la revisión de la compleja interacción entre la inmunidad intestinal, la microbiota intestinal y la dieta en las enfermedades inflamatorias, como la diabetes mellitus tipo I y enfermedad inflamatoria intestinal, y la infección en humanos y modelos animales. Obteniendo como resultados que a

nivel intestinal los metabolitos de la dieta tienen efectos antiinflamatorios locales y de gran alcance en la salud del huésped, dice que son más dominantes los factores ambientales que la genética del huésped en la conformación de la microbiota intestinal humana. Sobre todo, la dieta, que influye mucho en la microbiota intestinal y el sistema inmunitario. Una dieta con alimentos altamente procesados y refinados puede tener un impacto negativo en la composición de la microbiota intestinal, afectando negativamente a la salud. El acetato, el propionato y el butirato contribuyen a una microbiota saludable y a un desarrollado sistema inmunológico. Una dieta alta en fibra aumentó la liberación de acetato y butirato. Los estudios muestran que el butirato promueve la generación periférica de células Treg mediante la inhibición de la inhibición de HDAC (histona desacetilasas). Además, el butirato es un potente inductor de células dendríticas tolerogénicas humanas, por medio de inducir la actividad RALDH (deshidrogenasa retiniana) y la diferenciación de las células Tr1 (T reguladoras tipo 1) mediante la inhibición simultánea de HDAC (histona deacetilasas) y la señalización a través de GPR109A (receptores de niacina 1). La microbiota intestinal a través de GPR109A tiene propiedades antiinflamatorias al promover los macrófagos colónicos y las células dendríticas para inducir la diferenciación de las células T reg y las células T productoras de IL-10 (interleucina 10) inmunorreguladoras. GPR109A también fue esencial para inducir IL-18 a través de una vía mediada por butirato en el epitelio del colon para la integridad intestinal. Se encontró una reducción en el número de bacterias productoras de butirato como Firmicutes y Lachnospiraceae en el colon de pacientes con EII y cáncer colorrectal. El aumento de fibra aumentó el número y función de T reguladoras, disminuyó la proporción de Firmicutes a Bacteroidetes, aumentando SCFA. El acetato de la dieta aumento el número de células T reguladoras. También se asoció una mayor ingesta de fibra dietética durante el embarazo con más acetato sérico, así como mayor protección en primavera contra el desarrollo de enfermedad de vías respiratorias.

La microbiota intestinal humana y sus modificaciones: el poder de la dieta¹⁵.

Sainz Cantero B¹⁵, en España en 2019, realizó una revisión bibliográfica de estudios comprendidos entre 1990 y 2018, realizados en población adulta. Tuvo como objetivo estudiar la relación entre el funcionamiento de la microbiota intestinal

humana y la dieta y la salud de las personas. Obteniendo como conclusión que una dieta saludable con el correcto aporte de macronutrientes y otros nutrientes hace que la microbiota intestinal crezca en densidad y diversidad de microorganismos, que aporta beneficios, genera metabolitos aprovechables por el huésped y lo protege de posibles patógenos oportunistas. Y que el uso de probióticos y prebióticos en la dieta constituye una buena herramienta para modificar y mejorar la microbiota intestinal. Destaca la controversia de los edulcorantes artificiales como el aspartamo, la sacarina y la sucralosa, que son utilizados para reducir la ingesta de calorías, pero que pueden potenciar el desarrollo de una intolerancia a la glucosa mayor que los azúcares naturales, aumentando el número de Bacteroides y disminuyendo los Lactobacillus. Las bacterias Lactobacillus y Bifidobacterias son las encargadas de la fermentación de ciertos carbohidratos no digeribles, resultando SCFA como acetato, butirato y propionato, que son absorbidos por las células intestinales y usados como fuente de energía. El butirato modula la acción de macrófagos y otras células del sistema inmunitario y por eso está relacionado con una acción antiinflamatoria a nivel intestinal. El acetato y propionato participan en la gluconeogénesis y lipogénesis; además, el propionato también inhibe la producción de colesterol y reduce el número de triglicéridos. En cuanto a las grasas, una dieta alta en grasas saturadas aumenta la cantidad de Bacteroides, Bilophila, Akkermansia muciniphila y Faecalibacterium prausnitzii, relacionadas con una sensibilidad menor a la insulina y con la inflamación del tejido adiposo blanco. Por otra parte, una dieta alta en grasas insaturadas produce un aumento de Streptococcus, Lactobacillus y Bifidobacteria, asociadas como antiinflamatorias del tejido adiposo por la activación que producen sobre los receptores tipo Toll. En cuanto a las proteínas, una dieta basada en proteínas de origen animal aumenta el número de Bacteroides y Bilophila y disminuye Ruminococcus y Bifidobacterias totales. Se asocia con una menor producción de SCFA y mayor riesgo de EII y enfermedad cardiovascular. Una dieta basada en proteínas de origen vegetal produce un aumento de Bifidobacterias y Lactobacillus y una disminución de Bacteroides y Clostridium perfringens. Este tipo de microbiota intestinal produce un aumento de SCFA que ayudan a mejorar la barrera intestinal y posee propiedades antiinflamatorias. También se destaca que algunos metabolitos resultantes de la fermentación de aminoácidos se han relacionado con efectos beneficiosos en la regulación neurológica, sobre todo relacionado con la ansiedad, la cognición, la saciedad y el comportamiento; aunque

todavía está en estudio. En cuanto a otros componentes que influyen, comenta los conocimientos sobre los probióticos y prebióticos y sobre los polifenoles, demostrados como beneficiosos para ciertas reacciones químicas y control de microorganismos patógenos. Los probióticos son organismos vivos destacados por su impacto en la flora intestinal y su consecuente beneficio para la salud. Los prebióticos son las semillas, productos integrales, cebolla, ajo, legumbres y ciertas verduras, algunos son resultantes de reacciones químicas por el consumo de alcohol o por cocinar los alimentos. Los polifenoles son antioxidantes comunes en la dieta, están inactivos en los alimentos y son biotransformados por la microbiota intestinal del colon, confieren principios activos beneficiosos en la prevención de enfermedades crónicas ligadas al estrés oxidativo como son el cáncer, las enfermedades cardiovasculares y la DM (diabetes mellitus) tipo II.

Influence of diet on the gut microbiome and implications for human health⁹.

Singh et al⁹, en 2017 en Estados Unidos, realizaron una revisión sistemática en Medline a través de PubMed, con artículos de estudios humanos en Inglés entre las fechas 1970 y 2015. Tiene como objetivo evaluar los datos actuales sobre los efectos de varios componentes dietéticos comunes en la microbiota intestinal. Obteniendo como conclusión que la dieta puede modificar el microbioma intestinal, lo que a su vez tiene un profundo impacto en la salud general, este puede ser beneficioso o perjudicial dependiendo de la identidad relativa y la abundancia de las poblaciones bacterianas constituyentes. Concluyendo que las **proteínas** influyen en la microbiota intestinal dependiendo de su origen animal o vegetal como podemos observar en la imagen de la figura 2. Las proteínas de **origen vegetal** producen el aumento de bacterias beneficiosas como Bifidobacterias y Lactobacillus y una reducción de Bacteroides y Clostridium perfringers; asociado a un aumento de concentración de SCFA intestinales, que se consideran antiinflamatorios e importantes para el mantenimiento de la barrera mucosa intestinal. Por otro lado, las proteínas de **origen animal** producen una disminución de Bifidobacterium y un aumento de Bacteroides, Alistipes, Bilophila y Ruminococcus; todo esto asociado a menor concentración de SCFA fecales que se asocia con un riesgo mayor de EII y

unos mayores niveles de TMAO, un proaterogénico que aumenta el riesgo de enfermedad cardiovascular.

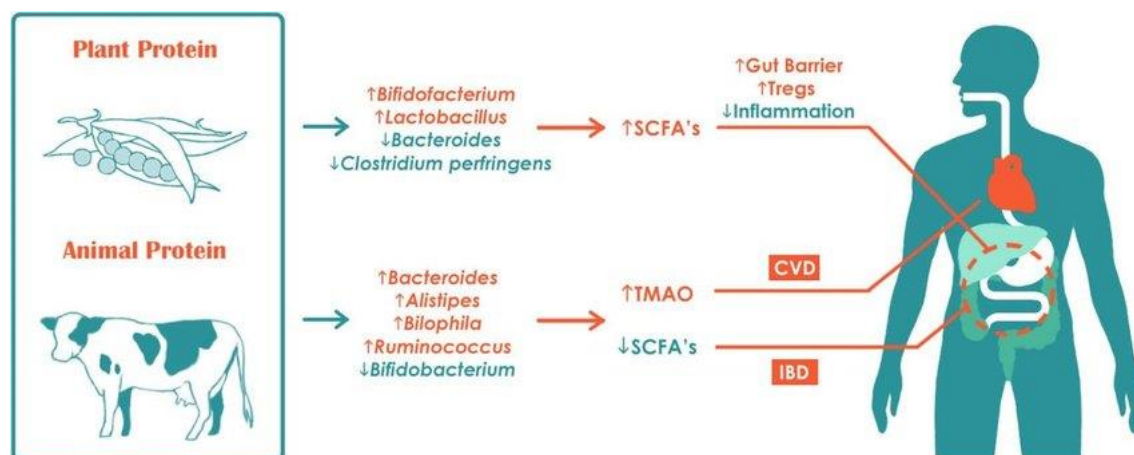


Figura 2. Impacto de la proteína dietética en la microbiota intestinal y los resultados de salud de los ácidos grasos de cadena corta⁹.

En relación a las **grasas**, las **saturadas y grasas trans** aumenta el riesgo de enfermedades cardiovasculares a través de la regulación positiva del colesterol total y LDL (lipoproteína de baja densidad) colesterol en sangre; aumentan la concentración de Bacteroides, Bilophila y Faecalibacterium, asociado a menor sensibilidad a la insulina y mayor señalización de TLR (receptores tipo Toll) que pueden promover la inflamación metabólica. Las **grasas mono y poliinsaturadas** producen un aumento en la concentración de Streptococcus, Lactobacillus, Bifidobacteria y Akkermansia muciniphila, asociado a menor colesterol total y LDL colesterol y una menor señalización TLR, actuando como antiinflamatorio como podemos observar en la imagen de la Figura 3⁹.

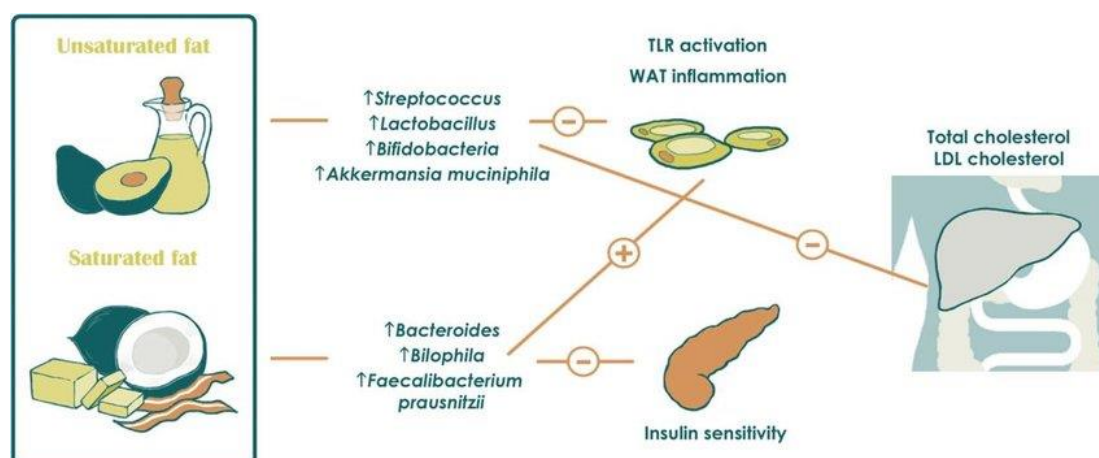


Figura 3. Impacto de las grasas de la dieta en el microbiota intestinal y en el metabolismo del huésped⁹.

En cuanto a los **carbohidratos digeribles**, los sujetos alimentados con altos niveles de glucosa, fructosa y sacarosa en forma de frutas habían aumentado la abundancia de Bifidobacterias, con Bacteroides reducidos. La lactosa muestra cambios similares, pero además reduce el grupo Clostridia asociado con el síndrome del intestino irritable y aumentando Lactobacillus (posiblemente efectivo para tratar el síndrome del intestino irritable). Compuestos artificiales como sacarina, sucralosa y el aspartamo son más propensos a inducir glucosa intolerancia que el propio consumo de glucosa pura y sacarosa; aumentando Bacteroides y reduciendo concentraciones de Lactobacillus reuteri, Bifidobacterias y Clostridia; sugiriéndose ser menos saludables de consumir que los azúcares naturales; en la tabla 2, se puede ver los efectos del azúcar natural y artificial en la microbiota intestinal ⁹.

Tabla 2. Efectos del azúcar natural y artificial en la microbiota intestinal.

	Bifidobacterias	Bacteroides	Clostridia	Lactobacillus
Glucosa	+	-		
Fructosa	+	-		
Sacarosa	+	-		
Lactosa	+	-	-	+
Edulcorantes artificiales	-	+	-	-

Nota: *+ (Positivo); **- (Negativo). Fuente: Elaboración propia, con datos extraídos del estudio Singh RK et al ⁹.

En cuanto a los **carbohidratos no digeribles** como la fibra y el almidón resistente, la fibra dietética puede modificar el ambiente intestinal, garantiza su designación adicional como prebiótico, estimulando el crecimiento selectivo y/o actividad de microorganismos beneficiosos. Fuentes de prebióticos incluyen soja, inulinas, trigo sin refinar y cebada, avena cruda y oligosacáridos no digeribles tales como fructanos, polidextrosa, FOS (fructooligosacáridos), GOS (galactooligosacáridos), XOS (xilooligosacáridos) y AOS (arabinooligosacáridos). Una dieta alta en estos elementos aumenta la abundancia bacteriana total, pudiéndose ver en la tabla 3 los efectos de la fibra y prebióticos en la microbiota intestinal y en la tabla 4 los efectos del almidón resistente en la microbiota intestinal⁹.

Tabla 3. Efecto de la fibra y prebióticos en la microbiota intestinal.

	Abundancia bacteriana	Lactobacillus	Bifidobacterias	Clostridia	Enterococcus
Fibra y Prebióticos	+	+	+	-	+/-

Nota: *+ (Positivo); **-(Negativo). Fuente: Elaboración propia, con datos extraídos del estudio Singh RK et al ⁹.

Tabla 4. Efecto del almidón resistente en la microbiota intestinal.

	Abundancia bacteriana	Lactobacillus	Bifidobacterias	Roseburia	Eubacteria	Ruminococcus
Almidón resistente	+	+	+	+	+	+

Nota: *+ (Positivo); **-(Negativo). Fuente: Elaboración propia, con datos extraídos del estudio Singh RK et al ⁹.

Los **prebióticos** también producen cambios en el metabolismo y marcadores inmunes tales como reducciones en la citosina proinflamatoria IL-6, insulina resistencia y pico de glucosa posprandial. También se observaron reducciones en el peso corporal total y en concentraciones séricas de colesterol total, colesterol LDL (lipoproteína de baja densidad), triglicéridos y hemoglobina glucosilada. Se cree que este efecto beneficioso en la función inmune y metabólica implica una mayor producción de SCFA y el fortalecimiento del tejido linfoide gastrointestinal mediante la fermentación de fibra. Los **probióticos** producen un aumento selectivo en la abundancia bacteriana, aumentando Bifidobacterias, Lactobacillus, Streptococcus; así como niveles reducidos de Coliformes, Escherichia coli, Helicobacter pylori y niveles reducidos de triglicéridos, colesterol total, colesterol LDL, colesterol VLDL (Lipoproteína de muy baja densidad) y proteína C reactiva de alta sensibilidad. Además, se mejoró la sensibilidad a la insulina y el nivel de colesterol HDL (Lipoproteína de alta densidad) después de la suplementación probiótica. Se obtuvo alivio de la intolerancia gastrointestinal, aumento de la IgA (inmunoglobulina A) sérica total, disminución de la distensión abdominal e inhibición de la adhesión del patógeno a la mucosa intestinal. Con exitoso uso de las Bifidobacterias y Lactobacillus en la prevención de la diarrea del viajero⁹.

En cuanto a los diferentes tipos de dietas, Singh RK et al⁹ dicen que la **dieta occidental** (alta en proteínas y grasas, baja en fibra) produjo disminución de Bifidobacterias y Eubacterium, especies beneficiosas, y un aumento en la producción de nitrosaminas, que promueven el cáncer. La **dieta sin gluten** durante 30 días produjo una disminución de “bacterias saludables” como Bifidobacterias y Lactobacillus y aumento de otras potencialmente no saludables como Escherichia coli y Enterobacteriaceae. En cuanto a la **dietas veganas y vegetarianas**, enriquecidas en alimentos fermentables de origen vegetal, en un estudio de la revisión bibliográfica sistemática se disminuyeron Bifidobacterium y especies de Bacteroides pero se encontró discrepancia entre diferentes estudios. Y, por último, sobre la **dieta mediterránea**, rica en ácidos grasos monoinsaturados y poliinsaturados, alta en polifenoles y otros antioxidantes, alta en fibra y carbohidratos de bajo índice glucémico y más proteínas vegetales que animales, se detectó un grado de adherencia alto con un aumento en los niveles de SCFA fecales, bacterias Prevotella y otros Firmicutes y un bajo grado de adherencia con elevado óxido de trimetilamina en orina, asociado con un mayor riesgo cardiovascular. Demostrándose en varios estudios de la revisión la mejora que tienen los alimentos mediterráneos sobre la obesidad, el perfil lipídico y la inflamación. Se puede ver en la tabla 5 las alteraciones de las distintas dietas en la microbiota intestinal.

Tabla 5. Alteraciones de las distintas dietas en la microbiota intestinal.

Dieta	Bacterias	Bifidobacterias	Lactobacillus	Prevotella	Eubacteria	Roseburia	Bacteroides	Enterobacteria
Occidental (Alta grasa y proteína animal)	-	-	-		-		+	+
Sin gluten (No gluten)	-	-	-	-	-	-		+
Mediterránea (Alta fibra y antioxidantes)	+	+	+	+	+	+	+	

Nota: *+ (Positivo); **- (Negativo). Fuente: Elaboración propia, con datos extraídos del estudio Singh RK et al⁹.

Considerations for best practices in studies of fiber or other dietary components and intestinal microbiome¹⁶.

Klurfeld et al¹⁶, en 2018 en Estados Unidos, realizaron una revisión sistemática en donde incluyen artículos con poblaciones humanas, de animales y experimentos de laboratorio. Tuvieron como objetivo mejorar el rigor y la reproducibilidad en la investigación sobre el microbioma del colon e identificar información dietética importante que se debe informar y los parámetros a considerar en el diseño de los estudios de investigación, particularmente para los estudios clínicos sobre la dieta y la microbiota intestinal. Obteniendo como conclusión que existen pocas mejores prácticas claramente establecidas para el diseño de estudios del microbioma intestinal en los que la dieta es una variable principal. Y que la falta de consenso significa que los investigadores deben proporcionar detalles suficientes sobre la ingesta de alimentos y nutrientes para la posterior reproducción del trabajo por otros investigadores. Dicen que: Gran cantidad de cambios metabólicos son el resultado de alteraciones en la microbiota intestinal, tanto por la fermentación de carbohidratos no digeribles como por el metabolismo de pequeñas cantidades de otros macronutrientes y micronutrientes, como puede ser la colina y la conversión de ácidos biliares de metabolitos primarios a secundarios. Muchos metabolitos microbianos se absorben en el colon y circulan en el plasma, afectando a órganos extraintestinales. Esto sugiere las nuevas modalidades terapéuticas de ingeniería de la microbiota o la alimentación mediante dietas definidas. Se comparó una dieta estadounidense típica con una dieta africana tradicional tanto en africanos nativos como en afroamericanos. La dieta africana proporcionó 55 g / día de fibra y 41 g / día de grasa, mientras que la dieta afroamericana contenía 7 g / día de fibra y 145 g / día de grasa. Hay un riesgo 10 veces mayor de cáncer de colon en los afroamericanos que en los sudafricanos rurales. Se mostraron cambios marcados en SCFA, formación secundaria de ácidos biliares y marcadores de proliferación de células epiteliales. Además, se produjeron cambios en la composición de la microbiota, con *Prevotella* dominante mientras seguía la dieta africana y *Bacteroides* dominando mientras seguía la dieta afroamericana. El autor sugiere una revisión para evaluar mejor los cambios de la microbiota mediante la dieta y el cáncer colorrectal que concluya la presencia de enfermedad, asociada con aumento de *Fusobacterium* o *Alistipes* y reducción de *Bifidobacterias*, *Lactobacillus* y *Ruminococcus*.

Gut Microbiome: Profound Implications for Diet and Disease¹⁷.

Hills RD et al¹⁷, realizaron una revisión sistemática en 2019, en Estados Unidos. Tuvieron como objetivo la revisión del papel de la calidad de la dieta, la ingesta de carbohidratos, los FODMAP fermentables y la fibra prebiótica para mantener una flora intestinal saludable. Y la implicación para diversas afecciones. Obteniendo como resultado que los prebióticos y la fibra dietética aumentan la abundancia relativa de bacterias anaerobias beneficiosas, aumentan la fermentación de butirato y tienen efectos metabólicos favorables; y que especies como las Bifidobacterias, Akkermansia y Lactobacillus son beneficiosas para el huésped humano, incluidas en preparaciones probióticas. Dicen que: Diversas poblaciones de bacterias intestinales median sus efectos beneficiosos mediante la fermentación de fibra dietética con el fin de producir SCFA, señales endógenas de gran importancia en la reducción de la inflamación y en la homeostasis de los lípidos. Las bacterias anaerobias obligatorias, Phyla Firmicutes y Bacteroidetes, codifican una variedad de enzimas para hidrolizar carbohidratos complejos que el huésped no puede digerir como son la fibra y el almidón resistente. Ciertos tipos como Lactobacillus y Bifidobacterias se especializan en la fermentación de oligosacáridos, utilizando GOS, FOS e inulina de polisacárido. La fermentación de carbohidratos por anaerobios proporciona importantes SCFA como acetato, propionato y butirato. Se han identificado receptores para los SCFA, como FFAR3 (receptor de ácidos grasos libres 3) y el GPR109 A, ambos acoplados a proteínas G que se encuentran en células inmunes, en las células epiteliales del intestino y en adipocitos. El primero se asocia con un aumento del gasto energético, la expresión de la hormona leptina y con una disminución en la cantidad de alimentos ingeridos. El segundo inhibe la lipólisis o hidrólisis de triglicéridos en los adipocitos, reduciendo los niveles de triglicéridos y LDL en la sangre y como consecuente la actividad aterogénica. Por ese motivo, estas Bifidobacterias, Lactobacillus y otras especies como Akkermansia son beneficiosas para el huésped humano y se incluyen en muchas preparaciones probióticas. La diversidad microbiana central y la proporción de Firmicutes a Bacteroidetes son indicadores generales de salud y pueden cambiar con la edad. La variación entre cada persona es muy grande, jugando un papel dominante la calidad de la dieta y los factores ambientales. Sin embargo, existen géneros como Bacteroides y Ruminococcus que están implicados en resultados negativos para la salud.

Probiotics, gut microbiota, and their influence on host health and disease¹⁸.

Sánchez B et al¹⁸, en 2017, realizaron una revisión sistemática en España, cuyo objetivo fue el recopilar los mecanismos moleculares subyacentes a los efectos beneficiosos de los probióticos, principalmente a través de su interacción con la microbiota intestinal y con la mucosa intestinal. Obtuvieron como conclusión que el uso de probióticos es un medio de producir beneficios específicos, con mecanismos como la modificación de la microbiota intestinal. Además, en el estudio dicen que el uso de **probióticos** es un medio de producir beneficios específicos, con mecanismos como la modificación de la microbiota intestinal. Aunque ahora se cree que la modificación de la microbiota intestinal no sería estrictamente necesaria para producir el efecto beneficioso, el efecto podría ser activado mediante una interacción del sistema inmunológico. Durante los últimos años, está quedando claro que probióticos como Lactobacillus y Bifidobacterias no colonizan el intestino, que son liberados tras la intervención, considerándose así como miembros no estables de la microbiota intestinal. Actualmente, los probióticos muestran gran ventaja clínica en muchas enfermedades inflamatorias y autoinmunes, a pesar de no conocer aún todos los mecanismos moleculares subyacentes. Destacan la importancia de que en las futuras investigaciones se indague en aquellos microorganismos capaces de modificar el ecosistema microbiano local y generar a largo plazo efectos potencialmente beneficiosos. Aunque la investigación en géneros probióticos novedosos como Faecalibacterium, Akkermansia, y Eubacterium podría verse obstaculizada por la falta de un marco regulatorio adecuado y estudios de seguridad.

Influence of functional food components on gut health³.

Wan MLY et al³, en 2019 en China, realizaron una revisión sistemática con el objetivo principal de describir las funciones del epitelio intestinal y la microbiota intestinal en las respuestas de defensa de la mucosa y la influencia de ciertos componentes alimentarios funcionales en la modulación de la salud intestinal, con un enfoque particular en los probióticos, prebióticos y polifenoles. Obtuvieron como conclusión que una barrera intestinal intacta y una microbiota equilibrada son cruciales para mantener la salud y evitar que una persona sufra lesiones y

enfermedades en los tejidos y que los modificadores de la dieta, los probióticos, prebióticos y polifenoles han demostrado influir en la salud intestinal y el bienestar general. Los **probióticos** son “microorganismos vivos que cuando se administran en cantidades adecuadas confieren un beneficio de salud para el anfitrión”, definidos por la OMS (Organización Mundial de la Salud) y Naciones Unidas. Cualquier bacteria o microbio necesita ser aislada, purificada, caracterizada y demostrada que es beneficiosa para la salud antes de poder ser designada como un probiótico. Hay 31 cepas de bacterias utilizadas: 13 especies de *Lactobacillus*, 8 especies de *Bifidobacterias*, que son las más prevalentes y el resto son especies de *Enterococcus*, *Lactococcus*, *Leuconostoc*, *Pediococcus*, *Streptococcus*, *Escherichia* y *Saccharomyces*. A pesar del buen historial de seguridad todavía existen debates sobre su seguridad, preocupándose por la posible viabilidad de la translocación bacteriana y la virulencia, especialmente el riesgo de sepsis en pacientes inmunodeprimidos. En cuanto a los **prebióticos**, los alimentos tienen que cumplir tres criterios para considerarse prebióticos: en primer lugar deben tener resistencia a la acidez gástrica, a las enzimas de los mamíferos y a la absorción en el tracto superior gastrointestinal, en segundo criterio es que deben ser susceptibles a ser fermentado por la microbiota intestinal y en tercer criterio que deben cumplir es el de tener capacidad para estimular el crecimiento y/o actividad de las bacterias beneficiosas intestinales. Los FOS, la inulina, la lactulosa y los GOS son los prebióticos más conocidos y están disponibles comercialmente, éstos pueden alterar la microbiota intestinal hacia una composición más beneficiosa, aumentando *Bifidobacterias* en particular. En cuanto a los **polifenoles**, pueden ser beneficiosos en la prevención de enfermedades asociadas con el estrés oxidativo, como enfermedades cardiovasculares, cánceres, inflamación, enfermedades neurodegenerativas y diabetes; esto es debido a sus actividades antioxidantes, antimicrobianas, anticancerígenas, cardioprotectoras y neuroprotectoras. Están presentes en alimentos y bebidas de origen vegetal como frutas, verduras, vino tinto, café y té. Los humanos carecemos de enzimas digestivas específicas de los polifenoles, su catabolismo se atribuye a la fermentación realizada por la microflora digestiva. Más del 90% de los polifenoles pasan sin ser absorbidos al colon, donde la mayoría de estos son metabolizados ampliamente por la microbiota intestinal. También pueden inhibir el crecimiento de especies de *Salmonella*, *Helicobacter pylori* y bacterias patógenas y conferir beneficios para la salud; sin embargo, los efectos de la interacción entre los

polifenoles y las funciones particulares de la microbiota intestinal permanecen en gran parte inexplorados.

Participación de Enfermería para la prevención y tratamiento de enfermedades mediante el uso de prebióticos y probióticos¹⁹.

Sánchez López R¹⁹, en 2018 en España, realizó una revisión sistemática incluyendo ensayos clínicos aleatorizados con población humana adulta. Tuvo como objetivo obtener información general y específica sobre los prebióticos y probióticos, en qué enfermedades están indicados y en cuáles no, para que los profesionales de Enfermería puedan desempeñar su papel en el ámbito de la prevención, promoción y tratamiento. Obtuvo como conclusión que los profesionales de Enfermería deben actualizarse sobre la administración de los prebióticos y probióticos, para así llevar a cabo intervenciones promotoras de salud y prevenir la incidencia de enfermedades en la población; sin embargo, deben tener mucha precaución con las personas inmunodeprimidas ya que el uso de prebióticos y probióticos puede ser perjudicial. Afirma en su estudio que la función principal de los **prebióticos** es estimular de manera selectiva el crecimiento y actividad de las bacterias beneficiosas (Bifidobacterias y Lactobacillus) y así dificultar el crecimiento de otras patógenas. Los más utilizados son FOS, la inulina y los GOS. Se encuentran en judías de soja, cebolla, ajo, puerros, trigo entre otros. Los **probióticos** son microorganismos vivos que al ingerirse en cantidades adecuadas aportan beneficios sobre la salud, los más comunes son las Bifidobacterias, los Lactobacillus y Saccharomyces. En cuanto al ámbito de enfermedades intestinales, menciona el beneficio encontrado del uso de probióticos en la diarrea, útil en el tratamiento de rehidratación para la diarrea infecciosa aguda, con efectos similares en los países en desarrollo y en países desarrollados. También describe el uso beneficioso de probióticos en la diarrea por antibiótico, descendiendo estos el riesgo de aparición; sin embargo, el resultado en la diarrea de los viajeros no alcanzó la significación clínica. En cuanto a los prebióticos y su uso en la diarrea, se obtuvo un efecto positivo, pero poco importante sobre la cantidad y el número de deposiciones. En cuanto al ámbito del cáncer colorrectal, en el uso de probióticos aislados o asociados a fibras prebióticas, se obtuvo una menor tasa de infecciones postoperatorias, sepsis o bacteriemia en los pacientes.

Different Intestinal Microbial Profile in Over-Weight and Obese Subjects Consuming a Diet with Low Content of Fiber and Antioxidants²⁰.

Fernández Navarro et al²⁰, realizaron un estudio transversal en 2017 en España. Tuvieron como objetivo analizar la interrelación entre obesidad, dieta, estrés oxidativo, inflamación y la microbiota intestinal en 68 adultos sanos, el 29,4% de los cuales presentaban un peso normal. Obtuvieron como conclusión que niveles del grupo intestinal *Bacteroides* *Prevotella* *Porphyromonas* fueron más bajos en el grupo y se relacionaron con un estado prooxidante y proinflamatorio más alto, cuyos individuos también tuvieron una menor ingesta de frutas, frutos secos y pescado; esto podría ser útil en el diseño de estrategias dirigidas a la prevención de la obesidad. El estudio dice que la microbiota intestinal es diferente en seres humanos obesos, tanto en diversidad como abundancia de *Bacteroidetes* dominante y *Firmicutes*. Estudios previos identifican los microorganismos relacionados con *Lactobacillus* como un factor de riesgo potencial relacionado con la obesidad. También se observaban niveles más altos de SCFA intestinales en sujetos obesos. En el estudio, las verduras y frutas fueron sus fuentes de pectina, que puede ser metabolizada en el colon por *Bacteroides*, y como resultado la producción de SCFA, que pueden ejercer diferentes efectos beneficiosos. Teniendo en cuenta los resultados que obtuvieron, afirman la asociación negativa entre *Bacteroides* y obesidad, mientras que la asociación a *Lactobacillus* no obtuvo significación estadística al considerar también el estrés oxidativo y los parámetros relacionados con la inflamación. Así como que los niveles de SCFA del intestino como acetato era otro factor de riesgo, con sus niveles aumentando con el IMC (índice de masa corporal). También reportaron que la dieta que llevaba alimentos edulcorados, se asociaba a un estado pro-inflamatorio crónico y pro-oxidante vinculado con sobrepeso y obesidad.

VII. CONCLUSIONES

La dieta es el modificador más importante de la microbiota intestinal; según va evolucionando la dieta con los años, así la microbiota intestinal evoluciona. Una composición favorable de ésta promueve la salud. La más favorable es la dieta mediterránea, que por su composición produce un aumento de Bifidobacterias y Lactobacillus, así como un aumento de SCFA fecales; asociados a grandes beneficios sobre la salud del intestino¹³⁻¹⁵.

Los carbohidratos son potentes modificadores de la microbiota intestinal, en concreto los SCFA resultantes de la fermentación de carbohidratos no digeribles, han demostrado diferentes beneficios y ser terapéuticos novedosos muy prometedores. Así las proteínas de origen vegetal son más beneficiosas que las de origen animal, debido al aumento de concentración de Bifidobacterias y Lactobacillus que producen. Debido a estos mismos cambios son las grasas mono y poliinsaturadas las más beneficiosas^{9,13-15}.

Los cambios bacterianos en la microbiota intestinal más importantes son los asociados a las concentraciones de SCFA intestinales, elementos considerados antiinflamatorios e importantes para el mantenimiento de la barrera mucosa intestinal. Altas concentraciones están a su vez relacionadas con abundante número de bacterias beneficiosas y protección frente al desarrollo de enfermedades intestinales, como Bifidobacterias y Lactobacillus y una reducción de bacterias patógenas, como Bacteroides y Clostridium perfringers. Opuestamente, una concentración baja de SCFA intestinal, está relacionado con un riesgo mayor de EII y unos mayores niveles de nitrosaminas que aumenta el riesgo cardiovascular y promueven el cáncer^{9,16,17}.

Los prebióticos y probióticos son elementos claves en la regulación de la disbiosis, son muy novedosos y discutidos, pero podrían ser una alternativa terapéutica en muchas enfermedades, al igual que los polifenoles^{3,18,19}.

Una de las enfermedades en las que se ha descrito una asociación es la obesidad, existiendo una disbiosis. Según los estudios actuales existe una asociación negativa entre Bacteroides y obesidad; también se han intentado describir asociaciones a Lactobacillus pero no se obtuvo significación estadística²⁰.

VIII. BIBLIOGRAFÍA

1. Gleeson JP. Diet, food components and the intestinal barrier. *Nutrition Bulletin* [Internet]. 2017 Jun [citado el 14 enero 2020]; 42(2):123–31. Disponible en: <http://search.ebscohost.com.ezproxy.usal.es/login.aspx?direct=true&db=ccm&AN=122918298&site=ehost-live>
2. Salvo Romero E, Alonso Cotoner C, Pardo Camacho C, Casado Bedmar M, Vicario M. Función barrera intestinal y su implicación en enfermedades digestivas [Internet]. 2015 [citado el 14 enero 2020]. Disponible en: http://scielo.isciii.es/pdf/diges/v107n11/es_revision.pdf
3. Wan MLY, Ling KH, El-Nezami H, Wang MF. Influence of functional food components on gut health. *Critical Reviews in Food Science & Nutrition* [Internet]. 2019 Ago [citado el 14 enero 2020]; 59(12):1927–36. Disponible en: <http://search.ebscohost.com.ezproxy.usal.es/login.aspx?direct=true&db=ccm&AN=137070011&site=ehost-live>
4. Arbolea S, Salazar N, de los Reyes Gavilán C, Gueimonde M. Acerca de la Microbioma y la Microbiota intestinal. *Vitaldin* [Internet]. 2019 Jun [citado el 26 enero 2020]; (504): 96-105. Disponible en: <http://www.vitaldin.com/acerca-de-la-microbioma-y-la-microbiota-intestinal/>
5. Padrón Pereira C. Microbiota intestinal humana y dieta. *Dialnet* [internet]. 2019 [citado el 20 enero 2020]. Disponible en: <https://dialnet.unirioja.es/servlet/articulo?codigo=7190592>
6. Tamargo García A, Gil Sánchez I, Miralles B, Martín D, Rodríguez García-Risco M, Fornari T, et al. The dynamic gastrointestinal simulator (simgi®): a useful tool for clinical nutrition. *Nutricion Hospitalaria* [Internet]. 2017 Nov [citado el 15 enero 2020]; 34(5):1489–96. Disponible en: <http://search.ebscohost.com.ezproxy.usal.es/login.aspx?direct=true&db=cmedm&AN=29280668&lang=es&site=ehost-live>

7. Chassaing B, Vijay-Kumar M, Gewirtz AT. How diet can impact gut microbiota to promote or endanger health. *Current Opinion in Gastroenterology* [Internet]. 2017 Nov [citado el 27 enero 2020]; 33(6):417–21. Disponible en: <http://search.ebscohost.com.ezproxy.usal.es/login.aspx?direct=true&db=ccm&AN=125761022&site=ehost-live>
8. Laitinen K, Gueimonde M. Microbiota, Food, and Health. *International journal of molecular sciences* [Internet]. 2019 Dec 15 [citado el 15 marzo 2020]; 20(24). Disponible en: <http://search.ebscohost.com.ezproxy.usal.es/login.aspx?direct=true&db=cmedm&AN=31847466&site=ehost-live>
9. Singh RK, Chang H-W, Yan D, Lee KM, Ucmak D, Wong K, et al. Influence of diet on the gut microbiome and implications for human health. *Journal Of Translational Medicine* [Internet]. 2017 Apr [citado el 27 enero 2020]; 15(1):73. Disponible en: <http://search.ebscohost.com.ezproxy.usal.es/login.aspx?direct=true&db=cmedm&AN=28388917&site=ehost-live>
10. Robles Alonso V, Guarner F. Progreso en el conocimiento de la microbiota intestinal humana [Internet]. 2013 [citado el 16 enero 2020]. Disponible en: <http://scielo.isciii.es/pdf/nh/v28n3/01articuloespecial01.pdf>
11. Espín JC. Gut Microbiota, Diet and Health. *Molecular Nutrition & Food Research* [Internet]. 2017 Ene [citado el 30 enero 2020]; 61(1). Disponible en: <http://search.ebscohost.com.ezproxy.usal.es/login.aspx?direct=true&db=cmedm&AN=28044428&site=ehost-live>
12. Gill SR, Pop M, Deboy RT, Eckburg PB, Turnbaugh PJ, Samuel BS, et al. Metagenomic analysis of the human distal gut microbiome. *Science (New York, NY)* [Internet]. 2006 Jun 2 [citado el 18 marzo 2020]; 312(5778):1355–9. Disponible en: <http://search.ebscohost.com.ezproxy.usal.es/login.aspx?direct=true&db=cmedm&AN=16741115&site=ehost-live>

13. Rinninella E, Cintoni M, Raoul P, Lopetuso LR, Scaldaferri F, Pulcini G, et al. Food Components and Dietary Habits: Keys for a Healthy Gut Microbiota Composition. *Nutrients* [Internet]. 2019 Oct 7 [citado el 30 enero 2020]; 11(10). Disponible en: <http://search.ebscohost.com.ezproxy.usal.es/login.aspx?direct=true&db=cmedm&AN=31591348&site=ehost-live>
14. Yap YA, Mariño E. An Insight Into the Intestinal Web of Mucosal Immunity, Microbiota, and Diet in Inflammation. *Frontiers in immunology* [Internet]. 2018 Nov 20 [citado el 14 marzo 2020]; 9:2617. Disponible en: <http://search.ebscohost.com.ezproxy.usal.es/login.aspx?direct=true&db=cmedm&AN=30532751&site=ehost-live>
15. Sainz Cantero, Bárbara. La microbiota intestinal humana y sus modificaciones: el poder de la dieta. *Nuberos Científica*. 2019; [citado el 16 febrero 2020] 3(28): 12-1. Disponible en: <http://ciberindex.com/c/nc/2812nc>
16. Klurfeld DM, Davis CD, Karp RW, Allen-Vercoe E, Chang EB, Chassaing B, et al. Considerations for best practices in studies of fiber or other dietary components and the intestinal microbiome. *American Journal Of Physiology Endocrinology And Metabolism* [Internet]. 2018 Dec 1 [citado el 30 enero 2020]; 315(6): E1087–97. Disponible en: <http://search.ebscohost.com.ezproxy.usal.es/login.aspx?direct=true&db=cmedm&AN=30130151&site=ehost-live>
17. Hills RD, Pontefract BA, Mishcon HR, Black CA, Sutton SC, Theberge CR. Gut Microbiome: Profound Implications for Diet and Disease. *Nutrients* [Internet]. 2019 Jul [citado el 18 marzo 2020]; 11(7):1613. Disponible en: <http://search.ebscohost.com.ezproxy.usal.es/login.aspx?direct=true&db=ccm&AN=137681490&site=ehost-live>
18. Sánchez B, Delgado S, Blanco-Míguez A, Lourenço A, Gueimonde M, Margolles A. Probiotics, gut microbiota, and their influence on host health and disease. *Molecular Nutrition & Food Research* [Internet]. 2017 Jan [citado el 30 enero 2020]; 61(1). Disponible en: <http://search.ebscohost.com.ezproxy.usal.es/login.aspx?direct=true&db=cmedm&AN=27500859&site=ehost-live>

19. Sánchez López R. Participación de Enfermería para la prevención y tratamiento de enfermedades mediante el uso de prebióticos y probióticos. Gredos, Repositorio Documental de la Universidad de Salamanca. 2018; Mayo [citado el 16 marzo 2020]. Disponible en: <http://hdl.handle.net/10366/139130>
20. Fernández Navarro T, Salazar N, Gutiérrez-Díaz I, de Los Reyes-Gavilán CG, Gueimonde M, González S. Different Intestinal Microbial Profile in Over-Weight and Obese Subjects Consuming a Diet with Low Content of Fiber and Antioxidants. *Nutrients* [Internet]. 2017 May 27 [citado el 30 enero 2020]; 9(6). Disponible en: <http://search.ebscohost.com.ezproxy.usal.es/login.aspx?direct=true&db=cmedm&AN=28555008&site=ehost-live>

IX. ANEXOS

ANEXO I. Árbol filogenético de las principales bacterias Gram Negativo y Gram Positivo.

PRINCIPALES BACTERIAS GRAM NEGATIVO			
FILO	CLASE	GÉNERO	ESPECIE
BACTEROIDETES	Bacteroidia	Bacterioide	
		Prevotellaceae	Prevotella
	Cytophagia		
	Flavobacteria		
	Sphingobacteria		
VERRUCOMICROBIA	Verrucomicrobiae	Akkermansia	
PROTEOBACTERIA	Gammaproteobacteria	Enterobacteria	
		Legionellales	
	Deltaproteobacteria	Desulfovibrionales	Bilophila
	Alphaproteobacteria		
	Betaproteobacteria		
	Epsilonproteobacteria		
	Zetaproteobacteria		
PRINCIPALES BACTERIAS GRAM POSITIVO			
FILO	CLASE	GÉNERO	ESPECIE
FIRMICUTES	Bacilli	Bacillales	Lactobacillus
		Lactobacillales	Enterococcus
			Streptococcus
			Lactococcus
	Clostridia	Clostridium	
ACTINOBACTERIA	Actinobacteridae	Bifidobacteriales	Bifidobacterium
		Actinomycetales	

Fuente: Elaboración propia, con datos extraídos del estudio Gill SR et al ¹².

ANEXO II. Glosario de abreviaturas utilizadas ordenadas alfabéticamente.

- **ADN:** Ácido desoxirribonucleico
- **AOS:** Arabinooligosacáridos
- **CLA:** Ácidos linoleicos conjugados
- **DM:** Diabetes mellitus
- **EII:** Enfermedad inflamatoria intestinal
- **FFAR3:** Receptor de ácidos grasos libres 3
- **FOS:** Fructooligosacáridos
- **GOS:** Galactooligosacáridos
- **GPR109A:** Receptor de niacina 1
- **HDAC:** Histona desacetilasas
- **HDL:** Lipoproteína de alta densidad
- **Ig:** Inmunoglobulina
- **IL:** Interleucina
- **IMC:** Índice de masa corporal
- **LDL:** Lipoproteína de baja densidad
- **OMS:** Organización Mundial de la Salud
- **PCR:** Proteína C reactiva
- **RALDH:** Deshidrogenasa retiniana
- **SCFA:** Ácidos grasos de cadena corta
- **SRB:** Bacterias reductoras de sulfato
- **TLR:** Receptores tipo Toll
- **TMAO:** Trimetilamina-N-óxido
- **Tr1:** T reguladoras tipo 1
- **VLDL:** Lipoproteína de muy baja densidad
- **XOS:** Xilooligosacáridos